

SEQUENCE LISTING

SEQ ID NO:1

EBOGP1/MBGGP2 nucleotide sequence

```

      10      20      30      40      50
atgggcgtta caggaatatt gcagttacct cgtgatcgat tcaagaggac

      60      70      80      90     100
atcattcttt ctttgggtaa ttatcctttt ccaaagaaca ttttccatcc

     110     120     130     140     150
cacttgaggt catccacaat agcacattac aggttagtga tgtcgacaaa

     160     170     180     190     200
ctagtttgtc gtgacaaact gtcatccaca aatcaattga gatcagttgg

     210     220     230     240     250
actgaatctc gaagggaatg gagtggcaac tgacgtgcca tctgcaacta

     260     270     280     290     300
aaagatgggg cttcaggtcc ggtgtccac caaaggtggt caattatgaa

     310     320     330     340     350
gctggtgaat gggctgaaaa ctgctacaat cttgaaatca aaaaacctga

     360     370     380     390     400
cgggagtgag tgtctaccag cagcgccaga cgggattcgg ggcttcccc

     410     420     430     440     450
ggtgccggta tgtgcacaaa gtatcaggaa cgggaccgtg tgccggagac

     460     470     480     490     500
tttgcccttc ataaagaggg tgctttcttc ctgtatgatc gacttgcttc

     510     520     530     540     550
cacagttatc taccgaggaa cgactttcgc tgaaggtgtc gttgcatttc

     560     570     580     590     600
tgatactgcc ccaagctaag aaggacttct tcagctcaca ccccttgaga

     610     620     630     640     650
gagccgggtca atgcaacgga ggaccgtct agtggctact attctaccac

     660     670     680     690     700
aattagatat caggctaccg gttttggaac caatgagaca gagtacttgt

     710     720     730     740     750
tcgaggttga caatttgacc tacgtccaac ttgaatcaag attcacacca

     760     770     780     790     800
cagtttctgc tccagctgaa tgagacaata tatacaagtg ggaaaaggag

```

EBOGP1/MBGGP2
 nucleotide sequence

810	820	830	840	850
caataccacg	ggaaaaactaa	tttggaaggt	caacccccgaa	attgatacaa
860	870	880	890	900
caatcggggga	gtgggccttc	tgggaaacta	aaaaaaacct	cactagaaaa
910	920	930	940	950
attcgcagtg	aagagttgtc	tttcacagtt	gtatcaaacg	gagccaaaaa
960	970	980	990	1000
catcagtggt	cagagtcggt	cgcgaaacttc	ttccgaccca	gggaccaaca
1010	1020	1030	1040	1050
caacaactga	agaccacaaa	atcatggctt	cagaaaattc	ctctgcaatg
1060	1070	1080	1090	1100
gttcaagtgc	acagtcaagg	aagggaagct	gcagtgtcgc	atctaacaac
1110	1120	1130	1140	1150
ccttgccaca	atctccacga	gtccccaatc	cctcacaacc	aaaccaggtc
1160	1170	1180	1190	1200
cggacaacag	cacccataat	acaccggtgt	ataaacttga	catctctgag
1210	1220	1230	1240	1250
gcaactcaag	ttgaacaaca	tcaccgcaga	acagacaacg	acagcacagc
1260	1270	1280	1290	1300
ctccgacact	ccctctgcca	cgaccgcagc	cggacccccca	aaagcagaga
1310	1320	1330	1340	1350
acaccaacac	gagcaagagc	actgacttcc	tggacccccg	caccacaaca
1360	1370	1380	1390	1400
agtccccaaa	accacagcga	gaccgctggc	aacaacaaca	ctcatcacca
1410	1420	1430	1440	1450
agataccgga	gaagagagtg	ccagcagcgg	gaagctaggc	ttaattacca
1460	1470	1480	1490	1500
atactattgc	tggagtcgca	ggactgatca	caggcggggag	aagaactcga
1510	1520	1530	1540	1550
cgatcgatcc	tctggagggga	aggcgacatg	ttcccttttc	tggatggggt
1560	1570	1580	1590	1600
aataaatgct	ccaattgatt	ttgaccctagt	tccaaataca	aaaacaatct
1610	1620	1630	1640	1650
ttgatgaatc	ctctagttct	ggtgcctcgg	ctgaggaaga	tcaacatgcc
1660	1670	1680	1690	1700
tcccccaata	ttagtttaac	tttatcttat	tttcctaata	taaatgagaa

```

      1710      1720      1730      1740      1750
cactgcctac tctggagaaa atgagaatga ttgtgatgca gagttaagaa

      1760      1770      1780      1790      1800
tttggagcgt tcaggaggat gacctggccg cagggctcag ttggataccg

      1810      1820      1830      1840      1850
ttttttggcc ctggaattga aggactttac actgctgttt taattaaata

      1860      1870      1880      1890      1900
tcaaaacaat ttggtctgca ggttgaggcg tctagccaat caaactgcc

      1910      1920      1930      1940      1950
aatccttggg actcttattg agagtcacaa ctgaggaaag aacattctcc

      1960      1970      1980      1990      2000
ttaatcaata gacatgctat tgactttcta ctcacaagat ggggaggaac

      2010      2020      2030      2040      2050
atgcaaagtg cttggacctg attgttgcat cgggatagaa gacttgtcca

      2060      2070      2080      2090      2100
aaaatatttc agagcaaatt gaccaaatta aaaaggacga acaaaaagag

      2110      2120      2130      2140      2150
gggactgggtt ggggtctggg tggtaaatgg tggacatccg actgggggtgt

      2160      2170      2180      2190      2200
tcttactaac ttgggcattt tgctactatt atccatagct gtcttgattg

      2210      2220      2230      2240      2250
ctctatcctg tatttgctgt atctttacta aatatatcgg ataacggaat

tc

```

SEQ ID NO:2

EBOGP1/MBGGP2 amino acid sequence

MetGlyValThrGlyIleLeuGlnLeuProArgAspArgPheLys

ArgThrSerPhePheLeuTrpValIleIleLeuPheGlnArgThrPhe

SerIleProLeuGlyValIleHisAsnSerThrLeuGlnValSerAsp

ValAspLysLeuValCysArgAspLysLeuSerSerThrAsnGlnLeuArg

SerValGlyLeuAsnLeuGluGlyAsnGlyValAlaThrAspValProSer

AlaThrLysArgTrpGlyPheArgSerGlyValProProLysValVal

AsnTyrGluAlaGlyGluTrpAlaGluAsnCysTyrAsnLeuGluIleLys

LysProAspGlySerGluCysLeuProAlaAlaProAspGlyIleArgGly

EBGP1/MBGGP2

PheProArgCysArgTyrValHisLysValSerGlyThrGlyProCys
 AlaGlyAspPheAlaPheHisLysGluGlyAlaPhePheLeuTyrAspArg
 LeuAlaSerThrValIleTyrArgGlyThrThrPheAlaGluGlyValVal
 AlaPheLeuIleLeuProGlnAlaLysLysAspPhePheSerSerHis
 ProLeuArgGluProValAsnAlaThrGluAspProSerSerGlyTyrTyr
 SerThrThrIleArgTyrGlnAlaThrGlyPheGlyThrAsnGluThrGlu
 TyrLeuPheGluValAspAsnLeuThrTyrValGlnLeuGluSerArg
 PheThrProGlnPheLeuLeuGlnLeuAsnGluThrIleTyrThrSerGly
 LysArgSerAsnThrThrGlyLysLeuIleTrpLysValAsnProGluIle
 AspThrThrIleGlyGluTrpAlaPheTrpGluThrLysLysAsnLeu
 ThrArgLysIleArgSerGluGluLeuSerPheThrValValSerAsnGly
 AlaLysAsnIleSerGlyGlnSerProAlaArgThrSerSerAspProGly
 ThrAsnThrThrThrGluAspHisLysIleMetAlaSerGluAsnSer
 SerAlaMetValGlnValHisSerGlnGlyArgGluAlaAlaValSerHis
 LeuThrThrLeuAlaThrIleSerThrSerProGlnSerLeuThrThrLys
 ProGlyProAspAsnSerThrHisAsnThrProValTyrLysLeuAsp
 IleSerGluAlaThrGlnValGluGlnHisHisArgArgThrAspAsnAsp
 SerThrAlaSerAspThrProSerAlaThrThrAlaAlaGlyProProLys
 AlaGluAsnThrAsnThrSerLysSerThrAspPheLeuAspProAla
 ThrThrThrSerProGlnAsnHisSerGluThrAlaGlyAsnAsnAsnThr
 HisHisGlnAspThrGlyGluGluSerAlaSerSerGlyLysLeuGlyLeu
 IleThrAsnThrIleAlaGlyValAlaGlyLeuIleThrGlyGlyArg
 ArgThrArgArgSerIleLeuTrpArgGluGlyAspMetPheProPheLeu
 AspGlyLeuIleAsnAlaProIleAspPheAspProValProAsnThrLys
 ThrIlePheAspGluSerSerSerSerGlyAlaSerAlaGluGluAsp
 GlnHisAlaSerProAsnIleSerLeuThrLeuSerTyrPheProAsnIle
 AsnGluAsnThrAlaTyrSerGlyGluAsnGluAsnAspCysAspAlaGlu

2025.01.09
 10:00:00

LeuArgIleTrpSerValGlnGluAspAspLeuAlaAlaGlyLeuSer
 TrpIleProPhePheGlyProGlyIleGluGlyLeuTyrThrAlaValLeu
 IleLysAsnGlnAsnAsnLeuValCysArgLeuArgArgLeuAlaAsnGln
 ThrAlaLysSerLeuGluLeuLeuLeuArgValThrThrGluGluArg
 ThrPheSerLeuIleAsnArgHisAlaIleAspPheLeuLeuThrArgTrp
 GlyGlyThrCysLysValLeuGlyProAspCysCysIleGlyIleGluAsp
 LeuSerLysAsnIleSerGluGlnIleAspGlnIleLysLysAspGlu
 GlnLysGluGlyThrGlyTrpGlyLeuGlyGlyLysTrpTrpThrSerAsp
 TrpGlyValLeuThrAsnLeuGlyIleLeuLeuLeuLeuSerIleAlaVal
 LeuIleAlaLeuSerCysIleCysArgIlePheThrLysTyrIleGly*

SEQ ID NO:3

MBGGP1/EBOGP2 nucleotide sequence

10	20	30	40	50
atgaagacca	catgtttcct	tatcagtctt	atcttaattc	aagggacaaa
60	70	80	90	100
aaatctcccc	atttttagaga	tagctagtaa	taatcaacc	caaatgtgg
110	120	130	140	150
attcggatatg	ctccggaact	ctccagaaga	cagaagacgt	ccatctgatg
160	170	180	190	200
ggattcacac	tgagtgggca	aaaagttgct	gattcccctt	tggaggcatc
210	220	230	240	250
caagcgatgg	gctttcagga	caggtgtacc	tccaagaat	gttgagtaca
260	270	280	290	300
cagaggggga	ggaagccaaa	acatgctaca	atataagtgt	aacggatccc
310	320	330	340	350
tctggaaaat	ccttgctggt	agatcctcct	accaacatcc	gtgactatcc
360	370	380	390	400
gaaatgcaaa	actatccatc	atattcaagg	tcaaaaccct	catgcacagg
410	420	430	440	450
ggatcgccct	tcatttatgg	ggagcatttt	ttctgtatga	tcgcattgcc
460	470	480	490	500
tccacaacaa	tgtaccgagg	caaagtcttc	actgaaggga	acatagcagc

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84
85
86
87
88
89
90
91
92
93
94
95
96
97
98
99
100
101
102
103
104
105
106
107
108
109
110
111
112
113
114
115
116
117
118
119
120
121
122
123
124
125
126
127
128
129
130
131
132
133
134
135
136
137
138
139
140
141
142
143
144
145
146
147
148
149
150
151
152
153
154
155
156
157
158
159
160
161
162
163
164
165
166
167
168
169
170
171
172
173
174
175
176
177
178
179
180
181
182
183
184
185
186
187
188
189
190
191
192
193
194
195
196
197
198
199
200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211
212
213
214
215
216
217
218
219
220
221
222
223
224
225
226
227
228
229
230
231
232
233
234
235
236
237
238
239
240
241
242
243
244
245
246
247
248
249
250
251
252
253
254
255
256
257
258
259
260
261
262
263
264
265
266
267
268
269
270
271
272
273
274
275
276
277
278
279
280
281
282
283
284
285
286
287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309
310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338
339
340
341
342
343
344
345
346
347
348
349
350
351
352
353
354
355
356
357
358
359
360
361
362
363
364
365
366
367
368
369
370
371
372
373
374
375
376
377
378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388
389
390
391
392
393
394
395
396
397
398
399
400
401
402
403
404
405
406
407
408
409
410
411
412
413
414
415
416
417
418
419
420
421
422
423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433
434
435
436
437
438
439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449
450
451
452
453
454
455
456
457
458
459
460
461
462
463
464
465
466
467
468
469
470
471
472
473
474
475
476
477
478
479
480
481
482
483
484
485
486
487
488
489
490
491
492
493
494
495
496
497
498
499
500
501
502
503
504
505
506
507
508
509
510
511
512
513
514
515
516
517
518
519
520
521
522
523
524
525
526
527
528
529
530
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542
543
544
545
546
547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558
559
560
561
562
563
564
565
566
567
568
569
570
571
572
573
574
575
576
577
578
579
580
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
841
842
843
844
845
846
847
848
849
850
851
852
853
854
855
856
857
858
859
860
861
862
863
864
865
866
867
868
869
870
871
872
873
874
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
930
931
932
933
934
935
936
937
938
939
940
941
942
943
944
945
946
947
948
949
950
951
952
953
954
955
956
957
958
959
960
961
962
963
964
965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984
985
986
987
988
989
990
991
992
993
994
995
996
997
998
999
1000

```

510      520      530      540      550
tatgattgtc aataagacag tgcacaaaat gattttctcg cggcaaggac

560      570      580      590      600
aagggtagcg tcatatgaat ctgacttcta ctaataaata ttggacaagt

610      620      630      640      650
agtaacggaa cgcaaacgaa tgacactgga tgtttcggcg ctcttcaaga

660      670      680      690      700
atacaattct acaaagaacc aaacatgtgc tccgtccaaa atacctccac

710      720      730      740      750
cactgcccac agcccgtccg gagatcaaac tcacaagcac cccaactgat

760      770      780      790      800
gccaccaaac tcaataccac ggacccaagc agtgatgatg aggacctcgc

810      820      830      840      850
aacatccggc tcaggggtccg gagaacgaga accccacaca acttctgatg

860      870      880      890      900
cggtcaccaa gcaagggctt tcatcaacaa tgccaccac tccctcacca

910      920      930      940      950
caaccaagca cgccacagca aggaggaaac aacacaaacc attcccaaga

960      970      980      990      1000
tgctgtgact gaactagaca aaaataacac aactgcacaa ccgtccatgc

1010     1020     1030     1040     1050
cccccataa cactaccaca atctctacta acaacacctc caaacacaaac

1060     1070     1080     1090     1100
ttcagcactc tctctgcacc attacaaaac accaccaatg acaacacaca

1110     1120     1130     1140     1150
gagcacaatc actgaaaatg agcaaaccag tgccccctcg ataacaaccc

1160     1170     1180     1190     1200
tgccctccaac gggaaatccc accacagcaa agagcaccag cagcaaaaaa

1210     1220     1230     1240     1250
ggccccgcca caacggcacc aaacacgaca aatgagcatt tcaccagtcc

1260     1270     1280     1290     1300
tccccccacc cccagctcga ctgcacaaca tcttgtatat ttcagaagaa

1310     1320     1330     1340     1350
agcgatcggc aattgtcaat gctcaacca aatgcaaccc taatttacat

1360     1370     1380     1390     1400
tactggacta ctcaggatga aggtgctgca atcggactgg cctggatacc

```

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84
85
86
87
88
89
90
91
92
93
94
95
96
97
98
99
100
101
102
103
104
105
106
107
108
109
110
111
112
113
114
115
116
117
118
119
120
121
122
123
124
125
126
127
128
129
130
131
132
133
134
135
136
137
138
139
140
141
142
143
144
145
146
147
148
149
150
151
152
153
154
155
156
157
158
159
160
161
162
163
164
165
166
167
168
169
170
171
172
173
174
175
176
177
178
179
180
181
182
183
184
185
186
187
188
189
190
191
192
193
194
195
196
197
198
199
200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211
212
213
214
215
216
217
218
219
220
221
222
223
224
225
226
227
228
229
230
231
232
233
234
235
236
237
238
239
240
241
242
243
244
245
246
247
248
249
250
251
252
253
254
255
256
257
258
259
260
261
262
263
264
265
266
267
268
269
270
271
272
273
274
275
276
277
278
279
280
281
282
283
284
285
286
287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309
310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338
339
340
341
342
343
344
345
346
347
348
349
350
351
352
353
354
355
356
357
358
359
360
361
362
363
364
365
366
367
368
369
370
371
372
373
374
375
376
377
378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388
389
390
391
392
393
394
395
396
397
398
399
400
401
402
403
404
405
406
407
408
409
410
411
412
413
414
415
416
417
418
419
420
421
422
423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433
434
435
436
437
438
439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449
450
451
452
453
454
455
456
457
458
459
460
461
462
463
464
465
466
467
468
469
470
471
472
473
474
475
476
477
478
479
480
481
482
483
484
485
486
487
488
489
490
491
492
493
494
495
496
497
498
499
500
501
502
503
504
505
506
507
508
509
510
511
512
513
514
515
516
517
518
519
520
521
522
523
524
525
526
527
528
529
530
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542
543
544
545
546
547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558
559
560
561
562
563
564
565
566
567
568
569
570
571
572
573
574
575
576
577
578
579
580
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
841
842
843
844
845
846
847
848
849
850
851
852
853
854
855
856
857
858
859
860
861
862
863
864
865
866
867
868
869
870
871
872
873
874
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
930
931
932
933
934
935
936
937
938
939
940
941
942
943
944
945
946
947
948
949
950
951
952
953
954
955
956
957
958
959
960
961
962
963
964
965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984
985
986
987
988
989
990
991
992
993
994
995
996
997
998
999
1000
1001
1002
1003
1004
1005
1006
1007
1008
1009
1010
1011
1012
1013
1014
1015
1016
1017
1018
1019
1020
1021
1022
1023
1024
1025
1026
1027
1028
1029
1030
1031
1032
1033
1034
1035
1036
1037
1038
1039
1040
1041
1042
1043
1044
1045
1046
1047
1048
1049
1050
1051
1052
1053
1054
1055
1056
1057
1058
1059
1060
1061
1062
1063
1064
1065
1066
1067
1068
1069
1070
1071
1072
1073
1074
1075
1076
1077
1078
1079
1080
1081
1082
1083
1084
1085
1086
1087
1088
1089
1090
1091
1092
1093
1094
1095
1096
1097
1098
1099
1100
1101
1102
1103
1104
1105
1106
1107
1108
1109
1110
1111
1112
1113
1114
1115
1116
1117
1118
1119
1120
1121
1122
1123
1124
1125
1126
1127
1128
1129
1130
1131
1132
1133
1134
1135
1136
1137
1138
1139
1140
1141
1142
1143
1144
1145
1146
1147
1148
1149
1150
1151
1152
1153
1154
1155
1156
1157
1158
1159
1160
1161
1162
1163
1164
1165
1166
1167
1168
1169
1170
1171
1172
1173
1174
1175
1176
1177
1178
1179
1180
1181
1182
1183
1184
1185
1186
1187
1188
1189
1190
1191
1192
1193
1194
1195
1196
1197
1198
1199
1200
1201
1202
1203
1204
1205
1206
1207
1208
1209
1210
1211
1212
1213
1214
1215
1216
1217
1218
1219
1220
1221
1222
1223
1224
1225
1226
1227
1228
1229
1230
1231
1232
1233
1234
1235
1236
1237
1238
1239
1240
1241
1242
1243
1244
1245
1246
1247
1248
1249
1250
1251
1252
1253
1254
1255
1256
1257
1258
1259
1260
1261
1262
1263
1264
1265
1266
1267
1268
1269
1270
1271
1272
1273
1274
1275
1276
1277
1278
1279
1280
1281
1282
1283
1284
1285
1286
1287
1288
1289
1290
1291
1292
1293
1294
1295
1296
1297
1298
1299
1300
1301
1302
1303
1304
1305
1306
1307
1308
1309
1310
1311
1312
1313
1314
1315
1316
1317
1318
1319
1320
1321
1322
1323
1324
1325
1326
1327
1328
1329
1330
1331
1332
1333
1334
1335
1336
1337
1338
1339
1340
1341
1342
1343
1344
1345
1346
1347
1348
1349
1350
1351
1352
1353
1354
1355
1356
1357
1358
1359
1360
1361
1362
1363
1364
1365
1366
1367
1368
1369
1370
1371
1372
1373
1374
1375
1376
1377
1378
1379
1380
1381
1382
1383
1384
1385
1386
1387
1388
1389
1390
1391
1392
1393
1394
1395
1396
1397
1398
1399
1400
1401
1402
1403
1404
1405
1406
1407
1408
1409
1410
1411
1412
1413
1414
1415
1416
1417
1418
1419
1420
1421
1422
1423
1424
1425
1426
1427
1428
1429
1430
1431
1432
1433
1434
1435
1436
1437
1438
1439
1440
1441
1442
1443
1444
1445
1446
1447
1448
1449
1450
1451
1452
1453
1454
1455
1456
1457
1458
1459
1460
1461
1462
1463
1464
1465
1466
1467
1468
1469
1470
1471
1472
1473
1474
1475
1476
1477
1478
1479
1480
1481
1482
1483
1484
1485
1486
1487
1488
1489
1490
1491
1492
1493
1494
1495
1496
1497
1498
1499
1500
1501
1502
1503
1504
1505
1506
1507
1508
1509
1510
1511
1512
1513
1514
1515
1516
1517
1518
1519
1520
1521
1522
1523
1524
1525
1526
1527
1528
1529
1530
1531
1532
1533
1534
1535
1536
1537
1538
1539
1540
1541
1542
1543
1544
1545
1546
1547
1548
1549
1550
1551
1552
1553
1554
1555
1556
1557
1558
1559
1560
1561
1562
1563
1564
1565
1566
1567
1568
1569
1570
1571
1572
1573
1574
1575
1576
1577
1578
1579
1580
1581
1582
1583
1584
1585
1586
1587
1588
1589
1590
1591
1592
1593
1594
1595
1596
1597
1598
1599
1600
1601
1602
1603
1604
1605
1606
1607
1608
1609
1610
1611
1612
1613
1614
1615
1616
1617
1618
1619
1620
1621
1622
1623
1624
1625
1626
1627
1628
1629
1630
1631
1632
1633
1634
1635
1636
1637
1638
1639
1640
1641
1642
1643
1644
1645
1646
1647
1648
1649
1650
1651
1652
1653
1654
1655
1656
1657
1658
1659
1660
1661
1662
1663
1664
1665
1666
1667
1668
1669
1670
1671
1672
1673
1674
1675
1676
1677
1678
1679
1680
1681
1682
1683
1684
1685
1686
1687
1688
1689
1690
1691
1692
1693
1694
1695
1696
1697
1698
1699
1700
1701
1702
1703
1704
1705
1706
1707
1708
1709
1710
1711
1712
1713
1714
1715
1716
1717
1718
1719
1720
1721
1722
1723
1724
1725
1726
1727
1728
1729
1730
1731
1732
1733
1734
1735
1736
1737
1738
1739
1740
1741
1742
1743
1744
1745
1746
1747
1748
1749
1750
1751
1752
1753
1754
1755
1756
1757
1758
1759
1760
1761
1762
1763
1764
1765
1766
1767
1768
1769
1770
1771
1772
1773
1774
1775
1776
1777
1778
1779
1780
1781
1782
1783
1784
1785
1786
1787
1788
1789
1790
1791
1792
1793
1794
1795
1796
1797
1798
1799
1800
1801
1802
1803
1804
1805
1806
1807
1808
1809
1810
1811
1812
1813
1814
1815
1816
1817
1818
1819
1820
1821
1822
1823
1824
1825
1826
1827
1828
1829
1830
1831
1832
1833
1834
1835
1836
1837
1838
1839
1840
1841
1842
1843
1844
1845
1846
1847
1848
1849
1850
1851
1852
1853
1854
1855
1856
1857
1858
1859
1860
1861
1862
1863
1864
1865
1866
1867
1868
1869
1870
1871
1872
1873
1874
1875
1876
1877
1878
1879
1880
1881
1882
1883
1884
1885
1886
1887
1888
1889
1890
1891
1892
1893
1894
1895
1896
1897
1898
1899
1900
1901
1902
1903
1904
1905
1906
1907
1908
1909
1910
1911
1912
1913
1914
1915
1916
1917
1918
1919
1920
1921
1922
1923
1924
1925
1926
1927
1928
1929
1930
1931
1932
1933
1934
1935
1936
1937
1938
1939
1940
1941
1942
1943
1944
1945
1946
1947
1948
1949
1950
1951
1952
1953
1954
1955
1956
1957
1958
1959
1960
1961
1962
1963
1964
1965
1966
1967
1968
1969
1970
1971
1972
1973
1974
1975
1976
1977
1978
1979
1980
1981
1982
1983
1984
1985
1986
1987
1988
1989
1990
1991
1992
1993
1994
1995
1996
1997
1998
1999
2000
2001
2002
2003
2004
2005
2006
2007
2008
2009
2010
2011
2012
2013
2014
2015
2016
2017
2018
2019
2020
2021
2022
2023
2024
2025
2026
2027
2028
2029
2030
2031
2032
2033
2034
2035
2036
2037
2038
2039
2040
2041
2042
2043
2044
2045
2046
2047
2048
2049
2050
2051
2052
2053
2054
2055
2056
2057
2058
2059
2060
2061
2062
2063
2064
2065
2066
2067
2068
2069
2070
2071
2072
2073
2074
2075
2076
2077
2078
20

```

      1410      1420      1430      1440      1450
atatttcggg ccagcagccg agggaattta catagagggg ctaatgcaca

      1460      1470      1480      1490      1500
atcaagatgg tttaatctgt gggttgagac agctggccaa cgagacgact

      1510      1520      1530      1540      1550
caagctcttc aactgttcct gagagccaca actgagctac gcaccttttc

      1560      1570      1580      1590      1600
aatcctcaac cgtaaggcaa ttgatttctt gctgcagcga tggggcggca

      1610      1620      1630      1640      1650
catgccacat tctgggaccg gactgctgta tcgaaccaca tgattggacc

      1660      1670      1680      1690      1700
aagaacataa cagacaaaat tgatcagatt attcatgatt ttgttgataa

      1710      1720      1730      1740      1750
aacccttccg gaccaggggg acaatgacaa ttggtggaca ggatggagac

      1760      1770      1780      1790      1800
aatggatacc ggcaggtatt ggagttacag gcgttataat tgcagttatc

      1810      1820      1830      1840
gctttattct gtatatgcaa atttgtcttt tagttgaatt c

```

SEQ ID NO:4

MBG1/EBO2 amino acid sequence

MetLysThrThrCysPheLeuIleSerLeuIleLeuIleGlnGlyThr
LysAsnLeuProIleLeuGluIleAlaSerAsnAsnGlnProGln
AsnValAspSerValCysSerGlyThrLeuGlnLysThrGluAspVal
HisLeuMetGlyPheThrLeuSerGlyGlnLysValAlaAspSerProLeu
GluAlaSerLysArgTrpAlaPheArgThrGlyValProProLysAsn
ValGluTyrThrGluGlyGluGluAlaLysThrCysTyrAsnIleSerVal
ThrAspProSerGlyLysSerLeuLeuLeuAspProProThrAsnIleArg
AspTyrProLysCysLysThrIleHisHisIleGlnGlyGlnAsnPro
HisAlaGlnGlyIleAlaLeuHisLeuTrpGlyAlaPhePheLeuTyrAsp
ArgIleAlaSerThrThrMetTyrArgGlyLysValPheThrGluGlyAsn
IleAlaAlaMetIleValAsnLysThrValHisLysMetIlePheSer

1000506_013102

ArgGlnGlyGlnGlyTyrArgHisMetAsnLeuThrSerThrAsnLysTyr
TrpThrSerSerAsnGlyThrGlnThrAsnAspThrGlyCysPheGlyAla
LeuGlnGluTyrAsnSerThrLysAsnGlnThrCysAlaProSerLys
IleProProProLeuProThrAlaArgProGluIleLysLeuThrSerThr
ProThrAspAlaThrLysLeuAsnThrThrAspProSerSerAspAspGlu
AspLeuAlaThrSerGlySerGlySerGlyGluArgGluProHisThr
ThrSerAspAlaValThrLysGlnGlyLeuSerSerThrMetProProThr
ProSerProGlnProSerThrProGlnGlnGlyGlyAsnAsnThrAsnHis
SerGlnAspAlaValThrGluLeuAspLysAsnAsnThrThrAlaGln
ProSerMetProProHisAsnThrThrThrIleSerThrAsnAsnThrSer
LysHisAsnPheSerThrLeuSerAlaProLeuGlnAsnThrThrAsnAsp
AsnThrGlnSerThrIleThrGluAsnGluGlnThrSerAlaProSer
IleThrThrLeuProProThrGlyAsnProThrThrAlaLysSerThrSer
SerLysLysGlyProAlaThrThrAlaProAsnThrThrAsnGluHisPhe
ThrSerProProProThrProSerSerThrAlaGlnHisLeuValTyr
PheArgArgLysArgSerAlaIleValAsnAlaGlnProLysCysAsnPro
AsnLeuHisTyrTrpThrThrGlnAspGluGlyAlaAlaIleGlyLeuAla
TrpIleProTyrPheGlyProAlaAlaGluGlyIleTyrIleGluGly
LeuMetHisAsnGlnAspGlyLeuIleCysGlyLeuArgGlnLeuAlaAsn
GluThrThrGlnAlaLeuGlnLeuPheLeuArgAlaThrThrGluLeuArg
ThrPheSerIleLeuAsnArgLysAlaIleAspPheLeuLeuGlnArg
TrpGlyGlyThrCysHisIleLeuGlyProAspCysCysIleGluProHis
AspTrpThrLysAsnIleThrAspLysIleAspGlnIleIleHisAspPhe
ValAspLysThrLeuProAspGlnGlyAspAsnAspAsnTrpTrpThr
GlyTrpArgGlnTrpIleProAlaGlyIleGlyValThrGlyValIleIle
AlaValIleAlaLeuPheCysIleCysLysPheValPhe*

SEQ ID NO:5
MUSGP1/RVNGP2 nucleotide sequence

Sequence Range: 1 to 2046

```

      10      20      30      40      50
atgaagacca catgtttcct tatcagtctt atcttaattc aagggacaaa

      60      70      80      90     100
aaatctcccc attttagaga tagctagtaa taatcaaccc caaaatgtgg

     110     120     130     140     150
attcggtatg ctccggaact ctccagaaga cagaagacgt ccatctgatg

     160     170     180     190     200
ggattcacac tgagtgggca aaaagttgct gattcccctt tggaggcatc

     210     220     230     240     250
caagcgatgg gctttcagga caggtgtacc tccaagaat gttgagtaca

     260     270     280     290     300
cagagggggga ggaagccaaa acatgctaca atataagtgt aacggatccc

     310     320     330     340     350
tctggaaaat ccttgctggt agatcctcct accaacaatcc gtgactatcc

     360     370     380     390     400
gaaatgcaaa actatccatc atattcaagg tcaaaaccct catgcacagg

     410     420     430     440     450
ggatcgccct tcatttatgg ggagcatttt ttctgtatga tcgcattgcc

     460     470     480     490     500
tccacaacaa tgtaccgagg caaagtcttc actgaaggga acatagcagc

     510     520     530     540     550
tatgattgtc aataagacag tgcacaaaat gattttctcg cggcaaggac

     560     570     580     590     600
aaggggtaccg tcatatgaat ctgacttcta ctaataaata ttggacaagt

     610     620     630     640     650
agtaacggaa cgcaaacgaa tgacactgga tgtttcggcg ctcttcaaga

     660     670     680     690     700
atacaattct acaaagaacc aaacatgtgc tccgtccaaa atacctccac

     710     720     730     740     750
cactgcccac agcccgtccg gagatcaaac tcacaagcac cccaactgat

     760     770     780     790     800
gccaccaaac tcaataccac ggaccaagc agtgatgatg aggacctcgc

     810     820     830     840     850

```

3006506.01.103

```

aacatccggc tcaggggtccg gagaacgaga accccacaca acttctgatg
      860      870      880      890      900
cggtcaccaa gcaagggcctt tcatcaacaa tgccaccacac tccctcacca
      910      920      930      940      950
caaccaagca cgccacagca aggaggaaac aacacaaacc attcccaaga
      960      970      980      990     1000
tgctgtgact gaactagaca aaaataacac aactgcacaa ccgctccatgc
     1010     1020     1030     1040     1050
cccccataa cactaccaca atctctacta acaacacctc caaacacaaac
     1060     1070     1080     1090     1100
ttcagcactc tctctgcacc attacaaaac accaccaatg acaacacaca
     1110     1120     1130     1140     1150
gagcacaatc actgaaaatg agcaaaccag tgccccctcg ataacaaccc
     1160     1170     1180     1190     1200
tgccctccaac gggaaatccc accacagcaa agagcaccag cagcaaaaaa
     1210     1220     1230     1240     1250
ggccccgccca caacgggcacc aaacacgaca aatgagcatt tcaccagtcc
     1260     1270     1280     1290     1300
tccccccacc cccagctcga ctgcacaaca tcttgtatat ttcagaagaa
     1310     1320     1330     1340     1350
agcgatcgat tttctggaaa gaaggtgata tattcccggt tttagatggg
     1360     1370     1380     1390     1400
ttaataaata ctgaaattga ttttgatcca atcccaaaca cagaaacaat
     1410     1420     1430     1440     1450
ctttgatgaa tctcccagct ttaatacttc aactaatgag gaacaacaca
     1460     1470     1480     1490     1500
ctcccccgaa tatcagttta actttctctt attttcctga taaaaatgga
     1510     1520     1530     1540     1550
gatactgcct actctgggga aaacgagaat gattgtgatg cagagttgag
     1560     1570     1580     1590     1600
gatttgaggt gtgcaggagg acgatttggc ggcagggcct agctggatac
     1610     1620     1630     1640     1650
cattttttgg ccctggaatc gaaggactct atactgccgg tttaatcaaa
     1660     1670     1680     1690     1700
aatcagaaca atttagtttg taggttgagg cgcttagcta atcaaactgc
     1710     1720     1730     1740     1750

```

20170909 10:00:00

SEQ ID NO:6
MUSGP1/RVNGP2 amino acid sequence

MetLysThrThrCysPheLeuIleSerLeuIleLeuIleGlnGlyThr
LysAsnLeuProIleLeuGluIleAlaSerAsnAsnGlnProGln
AsnValAspSerValCysSerGlyThrLeuGlnLysThrGluAspVal
HisLeuMetGlyPheThrLeuSerGlyGlnLysValAlaAspSerProLeu
GluAlaSerLysArgTrpAlaPheArgThrGlyValProProLysAsn
ValGluTyrThrGluGlyGluGluAlaLysThrCysTyrAsnIleSerVal
ThrAspProSerGlyLysSerLeuLeuLeuAspProProThrAsnIleArg
AspTyrProLysCysLysThrIleHisHisIleGlnGlyGlnAsnPro
HisAlaGlnGlyIleAlaLeuHisLeuTrpGlyAlaPhePheLeuTyrAsp
ArgIleAlaSerThrThrMetTyrArgGlyLysValPheThrGluGlyAsn
IleAlaAlaMetIleValAsnLysThrValHisLysMetIlePheSer
ArgGlnGlyGlnGlyTyrArgHisMetAsnLeuThrSerThrAsnLysTyr
TrpThrSerSerAsnGlyThrGlnThrAsnAspThrGlyCysPheGlyAla
LeuGlnGluTyrAsnSerThrLysAsnGlnThrCysAlaProSerLys
IleProProProLeuProThrAlaArgProGluIleLysLeuThrSerThr

ProThrAspAlaThrLysLeuAsnThrThrAspProSerSerAspAspGlu
 AspLeuAlaThrSerGlySerGlySerGlyGluArgGluProHisThr
 ThrSerAspAlaValThrLysGlnGlyLeuSerSerThrMetProProThr
 ProSerProGlnProSerThrProGlnGlnGlyGlyAsnAsnThrAsnHis
 SerGlnAspAlaValThrGluLeuAspLysAsnAsnThrThrAlaGln
 ProSerMetProProHisAsnThrThrThrIleSerThrAsnAsnThrSer
 LysHisAsnPheSerThrLeuSerAlaProLeuGlnAsnThrThrAsnAsp
 AsnThrGlnSerThrIleThrGluAsnGluGlnThrSerAlaProSer
 IleThrThrLeuProProThrGlyAsnProThrThrAlaLysSerThrSer
 SerLysLysGlyProAlaThrThrAlaProAsnThrThrAsnGluHisPhe
 ThrSerProProProThrProSerSerThrAlaGlnHisLeuValTyr
 PheArgArgLysArgSerIlePheTrpLysGluGlyAspIlePheProPhe
 LeuAspGlyLeuIleAsnThrGluIleAspPheAspProIleProAsnThr
 GluThrIlePheAspGluSerProSerPheAsnThrSerThrAsnGlu
 GluGlnHisThrProProAsnIleSerLeuThrPheSerTyrPheProAsp
 LysAsnGlyAspThrAlaTyrSerGlyGluAsnGluAsnAspCysAspAla
 GluLeuArgIleTrpSerValGlnGluAspAspLeuAlaAlaGlyLeu
 SerTrpIleProPhePheGlyProGlyIleGluGlyLeuTyrThrAlaGly
 LeuIleLysAsnGlnAsnAsnLeuValCysArgLeuArgArgLeuAlaAsn
 GlnThrAlaLysSerLeuGluLeuLeuLeuArgValThrThrGluGlu
 ArgThrPheSerLeuIleAsnArgHisAlaIleAspPheLeuLeuThrArg
 TrpGlyGlyThrCysLysValLeuGlyProAspCysCysIleGlyIleGlu
 AspLeuSerLysAsnIleSerGluGlnIleAspLysIleArgLysAsp
 GluGlnLysGluGluThrGlyTrpGlyLeuGlyGlyLysTrpTrpThrSer
 AspTrpGlyValLeuThrAsnLeuGlyIleLeuLeuLeuLeuSerIleAla
 ValLeuIleAlaLeuSerCysIleCysArgIlePheThrLysTyrIleGly*

RVNGP1/MUSGP2 nucleotide sequence

10	20	30	40	50
atgaagacca	tatatTTTTct	gattagtctc	attttaaTcc	aaagtataaa
60	70	80	90	100
aactctccct	gttttagaaa	ttgctagtaa	cagccaacct	caagatgtag
110	120	130	140	150
attcagtgtg	ctccggaacc	ctccaaaaga	cagaagatgt	tcattctgatg
160	170	180	190	200
ggattttacac	tgagtgggca	aaaagttgct	gattcccctt	tggaagcatc
210	220	230	240	250
taaacgatgg	gctttcagga	cagggtgttc	tcccaagaac	gttgagtata
260	270	280	290	300
cggaaggaga	agaagccaaa	acatgtttaca	atataagtgt	aacagaccct
310	320	330	340	350
tctggaaaat	ccttgctgct	ggatcctccc	agtaatatcc	gcgattaccc
360	370	380	390	400
taaatgtaaa	actgttcatc	atattcaagg	tcaaaaccct	catgcacagg
410	420	430	440	450
ggattgccct	ccattttgtgg	ggggcatttt	tcttgtatga	tcgcgttgcc
460	470	480	490	500
tctacaacaa	tgtaccgagg	caaggctctt	actgaaggaa	atatagcagc
510	520	530	540	550
tatgattgtt	aataagacag	ttcacagaat	gattttttct	aggcaaggac
560	570	580	590	600
aaggttatcg	tcacatgaac	ttgacctcca	ccaataaata	ttggacaagc
610	620	630	640	650
agcaatgaaa	cgcagagaaa	tgatacgggg	tgtttttgga	tcctccaaga
660	670	680	690	700
atacaactcc	acaacaatc	aaacatgcc	tccatctctt	aaacctccat
710	720	730	740	750
ccctgcccac	agtaactccg	agcattcact	ctacaaatac	tcaaattaat
760	770	780	790	800
actgctaaat	ctggaactat	gaacccaagt	agcgacgatg	aggaccttat
810	820	830	840	850
gatttccggc	tcaggatctg	gagaacaggg	gccccacaca	actcttaatg

```

      860      870      880      890      900
tagtctactga acagaaacaa tcgtcaacaa tattgtccac tccttcacta>

      910      920      930      940      950
catccaagca cctcacaaca tgagcaaaac agtacgaatc cttcccgcaca
      960      970      980      990     1000
tgctgtaact gagcacaatg gaaccgaccc aacaacacaa ccagcaacgc

     1010     1020     1030     1040     1050
tcctcaacaa tactaataca actcccacct ataacactct caagtacaac

     1060     1070     1080     1090     1100
ctcagtactc cttcccctcc aacccgcaac atcaccaata atgatacaca

     1110     1120     1130     1140     1150
acgtgaacta gcagaaagcg aacaaaccaa tgctcagttg aacacaactc

     1160     1170     1180     1190     1200
tagatccaac agaaaatccc accacaggac aagacaccaa cagcacaacc

     1210     1220     1230     1240     1250
aacatcatca tgacgacatc agatataaca agcaaacacc ccacaaattc

     1260     1270     1280     1290     1300
ttctccggat tctagtccga caaccgcgcc tcctatatac tttagaaaga

     1310     1320     1330     1340     1350
aacgatcgat cctctggagg gaaggcgaca tgttcccttt tctggatggg

     1360     1370     1380     1390     1400
ttaataaatg ctccaattga ttttgaccca gttccaaata caaaaacaat

     1410     1420     1430     1440     1450
ctttgatgaa tcctctagtt ctggtgcctc ggctgaggaa gatcaacatg

     1460     1470     1480     1490     1500
cctcccccaa tattagttta actttatctt attttcttaa tataaatgag

     1510     1520     1530     1540     1550
aacactgcct actctggaga aaatgagaat gattgtgatg cagagttaag

     1560     1570     1580     1590     1600
aatTTggagc gttcaggagg atgacctggc cgcagggctc agttggatac

     1610     1620     1630     1640     1650
cgtTTTTtgg ccctggaatt gaaggacttt aactgctgt ttttaattaaa>

     1660     1670     1680     1690     1700
aatcaaaaca atttggctctg caggttgagg cgtctagcca atcaaactgc

     1710     1720     1730     1740     1750
caaatccttg gaactcttat tgagagtcac aactgaggaa agaacattct

     1760     1770     1780     1790     1800

```

ADT10-0059001

ccttaatcaa tagacatgct attgactttc tactcacaag atggggagga

1810 1820 1830 1840 1850
acatgcaaag tgcttggacc tgattgttgc atcgggatag aagacttgtc

1860 1870 1880 1890 1900
caaaaatatt tcagagcaaa ttgaccaa ataaaaaggac gaacaaaaag

1910 1920 1930 1940 1950
aggggactgg ttggggctcg ggtggtaa at ggtggacatc cgactggggt

1960 1970 1980 1990 2000
gttcttacta acttgggcat tttgctacta ttatccatag ctgtcttgat

2010 2020 2030 2040 2050
tgctctatcc tgtatttgtc gtatctttac taaatatatc ggataa

SEQ ID NO:8

RVNGP1/MUSGP2 amino acid sequence

MetLysThrIleTyrPheLeuIleSerLeuIleLeuIleGlnSerIleLys
ThrLeuProValLeuGluIleAlaSerAsnSerGlnProGlnAspVal
AspSerValCysSerGlyThrLeuGlnLysThrGluAspValHisLeuMet
GlyPheThrLeuSerGlyGlnLysValAlaAspSerProLeuGluAlaSer
LysArgTrpAlaPheArgThrGlyValProProLysAsnValGluTyr
ThrGluGlyGluGluAlaLysThrCysTyrAsnIleSerValThrAspPro
SerGlyLysSerLeuLeuAspProProSerAsnIleArgAspTyrPro
LysCysLysThrValHisHisIleGlnGlyGlnAsnProHisAlaGln
GlyIleAlaLeuHisLeuTrpGlyAlaPhePheLeuTyrAspArgValAla
SerThrThrMetTyrArgGlyLysValPheThrGluGlyAsnIleAlaAla
MetIleValAsnLysThrValHisArgMetIlePheSerArgGlnGly
GlnGlyTyrArgHisMetAsnLeuThrSerThrAsnLysTyrTrpThrSer
SerAsnGluThrGlnArgAsnAspThrGlyCysPheGlyIleLeuGlnGlu
TyrAsnSerThrAsnAsnGlnThrCysProProSerLeuLysProPro
SerLeuProThrValThrProSerIleHisSerThrAsnThrGlnIleAsn
ThrAlaLysSerGlyThrMetAsnProSerSerAspAspGluAspLeuMet
IleSerGlySerGlySerGlyGluGlnGlyProHisThrThrLeuAsn
ValValThrGluGlnLysGlnSerSerThrIleLeuSerThrProSerLeu
HisProSerThrSerGlnHisGluGlnAsnSerThrAsnProSerArgHis
AlaValThrGluHisAsnGlyThrAspProThrThrGlnProAlaThr

ADITD "GSESDIT

LeuLeuAsnAsnThrAsnThrThrProThrTyrAsnThrLeuLysTyrAsn
 LeuSerThrProSerProProThrArgAsnIleThrAsnAsnAspThrGln
 ArgGluLeuAlaGluSerGluGlnThrAsnAlaGlnLeuAsnThrThr
 LeuAspProThrGluAsnProThrThrGlyGlnAspThrAsnSerThrThr
 AsnIleIleMetThrThrSerAspIleThrSerLysHisProThrAsnSer
 SerProAspSerSerProThrThrArgProProIleTyrPheArgLys
 LysArgSerIleLeuTrpArgGluGlyAspMetPheProPheLeuAspGly
 LeuIleAsnAlaProIleAspPheAspProValProAsnThrLysThrIle
 PheAspGluSerSerSerSerGlyAlaSerAlaGluGluAspGlnHis
 AlaSerProAsnIleSerLeuThrLeuSerTyrPheProAsnIleAsnGlu
 AsnThrAlaTyrSerGlyGluAsnGluAsnAspCysAspAlaGluLeuArg
 IleTrpSerValGlnGluAspAspLeuAlaAlaGlyLeuSerTrpIle
 ProPhePheGlyProGlyIleGluGlyLeuTyrThrAlaValLeuIleLys
 AsnGlnAsnAsnLeuValCysArgLeuArgArgLeuAlaAsnGlnThrAla
 LysSerLeuGluLeuLeuLeuArgValThrThrGluGluArgThrPhe
 SerLeuIleAsnArgHisAlaIleAspPheLeuLeuThrArgTrpGlyGly
 ThrCysLysValLeuGlyProAspCysCysIleGlyIleGluAspLeuSer
 LysAsnIleSerGluGlnIleAspGlnIleLysLysAspGluGlnLys
 GluGlyThrGlyTrpGlyLeuGlyGlyLysTrpTrpThrSerAspTrpGly
 ValLeuThrAsnLeuGlyIleLeuLeuLeuLeuSerIleAlaValLeuIle
 AlaLeuSerCysIleCysArgIlePheThrLysTyrIleGly*

SEQ ID NO:9

MBGGP1/MBGGP2 nucleotide sequence

10	20	30	40	50
aagcttaaca	tgaagaccac	atgtttcctt	atcagtcctta	tcttaattca
60	70	80	90	100
agggacaaaa	aatctcccca	ttttagagat	agctagtaat	aatcaacccc
110	120	130	140	150
aaaatgtgga	ttcggatatgc	tccggaactc	tccagaagac	agaagacgtc
160	170	180	190	200
catctgatgg	gattcacact	gagtgggcaa	aaagttgctg	attccccctt
210	220	230	240	250


```

ggagggcatcc aagcgatggg ctttcaggac aggtgtacct cccaagaatg
      260      270      280      290      300
ttgagtacac agaggggggag gaagccaaaa catgctacaa tataagtgtat
      310      320      330      340      350
acggatccct ctggaaaatc cttgctgtta gatcctccta ccaacatccg
      360      370      380      390      400
tgactatccg aaatgcaaaa ctatccatca tattcaaggt caaaaccctc
      410      420      430      440      450
atgcacaggg gatcgccctt catttatggg gagcattttt tctgtatgat
      460      470      480      490      500
cgcattatgt accgaggcaa agtcttcact gaagggaaca tagcagctat
      510      520      530      540      550
gattgtcaat aagacagtgc acaaaatgat tttctcgcg caaggacaag
      560      570      580      590      600
ggtaccgtca tatgaatctg acttctacta ataaatattg gacaagtagt
      610      620      630      640      650
aacggaacgc aaacgaatga cactggatgt ttcggcgctc ttcaagaata
      660      670      680      690      700
caattctaca aagaacaaaa catgtgctcc gtccaaaata cctccaccac
      710      720      730      740      750
tgcccacagc ccgtccggag atcaaactca caagcacccc aactgatgcc
      760      770      780      790      800
accaaactca ataccacgga cccaagcagt gatgatgagg acctcgcaac
      810      820      830      840      850
atccggctca ggggtccggag aacgagaacc ccacacaact tctgatgcgg
      860      870      880      890      900
tcaccaagca agggctttca tcaacaatgc caccactcc ctcaccacaa
      910      920      930      940      950
ccaagcacgc cacagcaagg aggaaacaac acaaaccatt cccaagatgc
      960      970      980      990      1000
tgtgactgaa ctagacaaaa ataacacaac tgcacaaccg tccatgcccc
      1010      1020      1030      1040      1050
ctcataacac taccacaatc tctactaaca acacctccaa acacaacttc
      1060      1070      1080      1090      1100
agcactctct ctgcaccatt aaaaaacacc accaatgaca acacacagag
      1110      1120      1130      1140      1150

```

2017-09-09 10:00:00

cacaatcact gaaaatgagc aaaccagtgc cccctcgata acaaccctgc
 1160 1170 1180 1190 1200
 ctccaacggg aaatcccacc acagcaaaga gcaccagcag caaaaaaggc
 1210 1220 1230 1240 1250
 cccgccacaa cggcaccaaa cagcacaat gagcatttca ccagtcctcc
 1260 1270 1280 1290 1300
 cccaccccc agctcgactg cacaacatct tgtatatattc agaagaaagc
 1310 1320 1330 1340 1350
 gatcgatcct ctggagggaa ggcgacatgt tcccttttct ggatgggtta
 1360 1370 1380 1390 1400
 ataaatgctc caattgattt tgaccaggtt ccaaatacaa aaacaatctt
 1410 1420 1430 1440 1450
 tgatgaatcc tctagtcttg gtgcctcggc tgaggaagat caacatgcct
 1460 1470 1480 1490 1500
 cccccaatat tagtttaact ttatcttatt ttcctaatat aaatgagaac
 1510 1520 1530 1540 1550
 actgcctact ctggagaaaa tgagaatgat tgtgatgcag agttaagaat
 1560 1570 1580 1590 1600
 ttggagcgtt caggaggatg acctggccgc agggctcagt tggataccgt
 1610 1620 1630 1640 1650
 tttttggccc tggaattgaa ggactttaca ctgctgtttt aattaaaaat
 1660 1670 1680 1690 1700
 caaaacaatt tgggtctgcag gttgaggcgt ctagccaatc aaactgccaa
 1710 1720 1730 1740 1750
 atccttggaa ctcttattga gagtcacaac tgaggaaaga acattctcct
 1760 1770 1780 1790 1800
 taatcaatag acatgctatt gactttctac tcacaagatg gggaggaaca
 1810 1820 1830 1840 1850
 tgcaaagtgc ttggacctga ttgttgcac gggatagaag acttgtccaa
 1860 1870 1880 1890 1900
 aaatatttca gagcaaattg accaaattaa aaaggacgaa caaaaaggagg
 1910 1920 1930 1940 1950
 ggactgggtt ggggtctgggt ggtaaatggt ggacatccga ctgggggtgtt
 1960 1970 1980 1990 2000
 cttactaact tgggcatttt gctactatta tccatagctg tcttgattgc
 2010 2020 2030 2040 2050

2010 2020 2030 2040 2050
 2060 2070 2080 2090 2100
 2110 2120 2130 2140 2150
 2160 2170 2180 2190 2200
 2210 2220 2230 2240 2250
 2260 2270 2280 2290 2300
 2310 2320 2330 2340 2350
 2360 2370 2380 2390 2400
 2410 2420 2430 2440 2450
 2460 2470 2480 2490 2500
 2510 2520 2530 2540 2550
 2560 2570 2580 2590 2600
 2610 2620 2630 2640 2650
 2660 2670 2680 2690 2700
 2710 2720 2730 2740 2750
 2760 2770 2780 2790 2800
 2810 2820 2830 2840 2850
 2860 2870 2880 2890 2900
 2910 2920 2930 2940 2950
 2960 2970 2980 2990 3000

C

MetLysThrThrCysPheLeuIleSerLeuIleLeuIleGlnGlyThr
LysAsnLeuProIleLeuGluIleAlaSerAsnAsnGlnProGln
AsnValAspSerValCysSerGlyThrLeuGlnLysThrGluAspVal
HisLeuMetGlyPheThrLeuSerGlyGlnLysValAlaAspSerProLeu
GluAlaSerLysArgTrpAlaPheArgThrGlyValProProLysAsn
ValGluTyrThrGluGlyGluGluAlaLysThrCysTyrAsnIleSerVal
ThrAspProSerGlyLysSerLeuLeuLeuAspProProThrAsnIleArg
AspTyrProLysCysLysThrIleHisHisIleGlnGlyGlnAsnPro
HisAlaGlnGlyIleAlaLeuHisLeuTrpGlyAlaPhePheLeuTyrAsp
ArgIleAlaSerThrThrMetTyrArgGlyLysValPheThrGluGlyAsn
IleAlaAlaMetIleValAsnLysThrValHisLysMetIlePheSer
ArgGlnGlyGlnGlyTyrArgHisMetAsnLeuThrSerThrAsnLysTyr
TrpThrSerSerAsnGlyThrGlnThrAsnAspThrGlyCysPheGlyAla
LeuGlnGluTyrAsnSerThrLysAsnGlnThrCysAlaProSerLys
IleProProProLeuProThrAlaArgProGluIleLysLeuThrSerThr
ProThrAspAlaThrLysLeuAsnThrThrAspProSerSerAspAspGlu
AspLeuAlaThrSerGlySerGlySerGlyGluArgGluProHisThr
ThrSerAspAlaValThrLysGlnGlyLeuSerSerThrMetProProThr
ProSerProGlnProSerThrProGlnGlnGlyGlyAsnAsnThrAsnHis
SerGlnAspAlaValThrGluLeuAspLysAsnAsnThrThrAlaGln
ProSerMetProProHisAsnThrThrThrIleSerThrAsnAsnThrSer
LysHisAsnPheSerThrLeuSerAlaProLeuGlnAsnThrThrAsnAsp
AsnThrGlnSerThrIleThrGluAsnGluGlnThrSerAlaProSer

IleThrThrLeuProProThrGlyAsnProThrThrAlaLysSerThrSer
 SerLysLysGlyProAlaThrThrAlaProAsnThrThrAsnGluHisPhe
 ThrSerProProProThrProSerSerThrAlaGlnHisLeuValTyr
 PheArgArgLysArgSerIleLeuTrpArgGluGlyAspMetPheProPhe
 LeuAspGlyLeuIleAsnAlaProIleAspPheAspProValProAsnThr
 LysThrIlePheAspGluSerSerSerSerGlyAlaSerAlaGluGlu
 AspGlnHisAlaSerProAsnIleSerLeuThrLeuSerTyrPheProAsn
 IleAsnGluAsnThrAlaTyrSerGlyGluAsnGluAsnAspCysAspAla
 GluLeuArgIleTrpSerValGlnGluAspAspLeuAlaAlaGlyLeu
 SerTrpIleProPhePheGlyProGlyIleGluGlyLeuTyrThrAlaVal
 LeuIleLysAsnGlnAsnAsnLeuValCysArgLeuArgArgLeuAlaAsn
 GlnThrAlaLysSerLeuGluLeuLeuLeuArgValThrThrGluGlu
 ArgThrPheSerLeuIleAsnArgHisAlaIleAspPheLeuLeuThrArg
 TrpGlyGlyThrCysLysValLeuGlyProAspCysCysIleGlyIleGlu
 AspLeuSerLysAsnIleSerGluGlnIleAspGlnIleLysLysAsp
 GluGlnLysGluGlyThrGlyTrpGlyLeuGlyGlyLysTrpTrpThrSer
 AspTrpGlyValLeuThrAsnLeuGlyIleLeuLeuLeuLeuSerIleAla
 ValLeuIleAlaLeuSerCysIleCysArgIlePheThrLysTyrIle
 Gly*

SEQ ID NO:11

EBOGP1/EBOGP2 nucleotide sequence

10	20	30	40	50
atgggcgtta	caggaatatt	gcagttacct	cgtgatcgat	tcaagaggac
60	70	80	90	100
atcattcttt	ctttgggtaa	ttatcctttt	ccaaagaaca	ttttccatcc
110	120	130	140	150
cacttggagt	catccacaat	agcacattac	aggtttagtga	tgtcgacaaa
160	170	180	190	200
ctagtttgtc	gtgacaaact	gtcatccaca	aatcaattga	gatcagttgg

```

      210      220      230      240      250
actgaatctc gaaggggaatg gagtggcaac tgacgtgccca tctgcaacta

      260      270      280      290      300
aaagatgggg cttcaggtcc ggtgtcccac caaaggtggg caattatgaa

      310      320      330      340      350
gctggtgaat gggctgaaaa ctgctacaat cttgaaatca aaaaacctga

      360      370      380      390      400
cgggagtgag tgtctaccag cagcgccaga cgggattcgg ggcttcccc

      410      420      430      440      450
ggtgccggtg tgtgcacaaa gtatcaggaa cgggaccgtg tgccggagac

      460      470      480      490      500
tttgcccttc ataaagaggg tgctttcttc ctgtatgac gacttgcttc

      510      520      530      540      550
cacagttatc taccgaggaa cgactttcgc tgaaggtgtc gttgcatttc

      560      570      580      590      600
tgatactgcc ccaagctaag aaggacttct tcagctcaca ccccttgaga

      610      620      630      640      650
gagccggtca atgcaacgga ggaccctct agtggctact attctaccac

      660      670      680      690      700
aattagatat caggctaccg gttttggaac caatgagaca gagtacttgt

      710      720      730      740      750
tcgaggttga caatttgacc tacgtccaac ttgaatcaag attcacacca

      760      770      780      790      800
cagtttctgc tccagctgaa tgagacaata tatacaagtg ggaaaaggag

      810      820      830      840      850
caataccacg ggaaaactaa tttggaaggt caaccccgaa attgatacaa

      860      870      880      890      900
caatcgggga gtgggccttc tgggaaacta aaaaaaacct cactagaaaa

      910      920      930      940      950
attcgcagtg aagagttgtc tttcacagtt gtatcaaacg gagccaaaaa

      960      970      980      990      1000
catcagtggg cagagtcagg cgcgaaactt ttccgaccca gggaccaaca

      1010      1020      1030      1040      1050
caacaactga agaccacaaa atcatggctt cagaaaattc ctctgcaatg

      1060      1070      1080      1090      1100
gttcaagtgc acagtcaagg aagggaagct gcagtgtcgc atctaacaac

```

1
 2
 3
 4
 5
 6
 7
 8
 9
 10
 11
 12
 13
 14
 15
 16
 17
 18
 19
 20
 21
 22
 23
 24
 25
 26
 27
 28
 29
 30
 31
 32
 33
 34
 35
 36
 37
 38
 39
 40
 41
 42
 43
 44
 45
 46
 47
 48
 49
 50
 51
 52
 53
 54
 55
 56
 57
 58
 59
 60
 61
 62
 63
 64
 65
 66
 67
 68
 69
 70
 71
 72
 73
 74
 75
 76
 77
 78
 79
 80
 81
 82
 83
 84
 85
 86
 87
 88
 89
 90
 91
 92
 93
 94
 95
 96
 97
 98
 99
 100
 101
 102
 103
 104
 105
 106
 107
 108
 109
 110
 111
 112
 113
 114
 115
 116
 117
 118
 119
 120
 121
 122
 123
 124
 125
 126
 127
 128
 129
 130
 131
 132
 133
 134
 135
 136
 137
 138
 139
 140
 141
 142
 143
 144
 145
 146
 147
 148
 149
 150
 151
 152
 153
 154
 155
 156
 157
 158
 159
 160
 161
 162
 163
 164
 165
 166
 167
 168
 169
 170
 171
 172
 173
 174
 175
 176
 177
 178
 179
 180
 181
 182
 183
 184
 185
 186
 187
 188
 189
 190
 191
 192
 193
 194
 195
 196
 197
 198
 199
 200
 201
 202
 203
 204
 205
 206
 207
 208
 209
 210
 211
 212
 213
 214
 215
 216
 217
 218
 219
 220
 221
 222
 223
 224
 225
 226
 227
 228
 229
 230
 231
 232
 233
 234
 235
 236
 237
 238
 239
 240
 241
 242
 243
 244
 245
 246
 247
 248
 249
 250
 251
 252
 253
 254
 255
 256
 257
 258
 259
 260
 261
 262
 263
 264
 265
 266
 267
 268
 269
 270
 271
 272
 273
 274
 275
 276
 277
 278
 279
 280
 281
 282
 283
 284
 285
 286
 287
 288
 289
 290
 291
 292
 293
 294
 295
 296
 297
 298
 299
 300
 301
 302
 303
 304
 305
 306
 307
 308
 309
 310
 311
 312
 313
 314
 315
 316
 317
 318
 319
 320
 321
 322
 323
 324
 325
 326
 327
 328
 329
 330
 331
 332
 333
 334
 335
 336
 337
 338
 339
 340
 341
 342
 343
 344
 345
 346
 347
 348
 349
 350
 351
 352
 353
 354
 355
 356
 357
 358
 359
 360
 361
 362
 363
 364
 365
 366
 367
 368
 369
 370
 371
 372
 373
 374
 375
 376
 377
 378
 379
 380
 381
 382
 383
 384
 385
 386
 387
 388
 389
 390
 391
 392
 393
 394
 395
 396
 397
 398
 399
 400
 401
 402
 403
 404
 405
 406
 407
 408
 409
 410
 411
 412
 413
 414
 415
 416
 417
 418
 419
 420
 421
 422
 423
 424
 425
 426
 427
 428
 429
 430
 431
 432
 433
 434
 435
 436
 437
 438
 439
 440
 441
 442
 443
 444
 445
 446
 447
 448
 449
 450
 451
 452
 453
 454
 455
 456
 457
 458
 459
 460
 461
 462
 463
 464
 465
 466
 467
 468
 469
 470
 471
 472
 473
 474
 475
 476
 477
 478
 479
 480
 481
 482
 483
 484
 485
 486
 487
 488
 489
 490
 491
 492
 493
 494
 495
 496
 497
 498
 499
 500
 501
 502
 503
 504
 505
 506
 507
 508
 509
 510
 511
 512
 513
 514
 515
 516
 517
 518
 519
 520
 521
 522
 523
 524
 525
 526
 527
 528
 529
 530
 531
 532
 533
 534
 535
 536
 537
 538
 539
 540
 541
 542
 543
 544
 545
 546
 547
 548
 549
 550
 551
 552
 553
 554
 555
 556
 557
 558
 559
 560
 561
 562
 563
 564
 565
 566
 567
 568
 569
 570
 571
 572
 573
 574
 575
 576
 577
 578
 579
 580
 581
 582
 583
 584
 585
 586
 587
 588
 589
 590
 591
 592
 593
 594
 595
 596
 597
 598
 599
 600
 601
 602
 603
 604
 605
 606
 607
 608
 609
 610
 611
 612
 613
 614
 615
 616
 617
 618
 619
 620
 621
 622
 623
 624
 625
 626
 627
 628
 629
 630
 631
 632
 633
 634
 635
 636
 637
 638
 639
 640
 641
 642
 643
 644
 645
 646
 647
 648
 649
 650
 651
 652
 653
 654
 655
 656
 657
 658
 659
 660
 661
 662
 663
 664
 665
 666
 667
 668
 669
 670
 671
 672
 673
 674
 675
 676
 677
 678
 679
 680
 681
 682
 683
 684
 685
 686
 687
 688
 689
 690
 691
 692
 693
 694
 695
 696
 697
 698
 699
 700
 701
 702
 703
 704
 705
 706
 707
 708
 709
 710
 711
 712
 713
 714
 715
 716
 717
 718
 719
 720
 721
 722
 723
 724
 725
 726
 727
 728
 729
 730
 731
 732
 733
 734
 735
 736
 737
 738
 739
 740
 741
 742
 743
 744
 745
 746
 747
 748
 749
 750
 751
 752
 753
 754
 755
 756
 757
 758
 759
 760
 761
 762
 763
 764
 765
 766
 767
 768
 769
 770
 771
 772
 773
 774
 775
 776
 777
 778
 779
 780
 781
 782
 783
 784
 785
 786
 787
 788
 789
 790
 791
 792
 793
 794
 795
 796
 797
 798
 799
 800
 801
 802
 803
 804
 805
 806
 807
 808
 809
 810
 811
 812
 813
 814
 815
 816
 817
 818
 819
 820
 821
 822
 823
 824
 825
 826
 827
 828
 829
 830
 831
 832
 833
 834
 835
 836
 837
 838
 839
 840
 841
 842
 843
 844
 845
 846
 847
 848
 849
 850
 851
 852
 853
 854
 855
 856
 857
 858
 859
 860
 861
 862
 863
 864
 865
 866
 867
 868
 869
 870
 871
 872
 873
 874
 875
 876
 877
 878
 879
 880
 881
 882
 883
 884
 885
 886
 887
 888
 889
 890
 891
 892
 893
 894
 895
 896
 897
 898
 899
 900
 901
 902
 903
 904
 905
 906
 907
 908
 909
 910
 911
 912
 913
 914
 915
 916
 917
 918
 919
 920
 921
 922
 923
 924
 925
 926
 927
 928
 929
 930
 931
 932
 933
 934
 935
 936
 937
 938
 939
 940
 941
 942
 943
 944
 945
 946
 947
 948
 949
 950
 951
 952
 953
 954
 955
 956
 957
 958
 959
 960
 961
 962
 963
 964
 965
 966
 967
 968
 969
 970
 971
 972
 973
 974
 975
 976
 977
 978
 979
 980
 981
 982
 983
 984
 985
 986
 987
 988
 989
 990
 991
 992
 993
 994
 995
 996
 997
 998
 999
 1000
 1001
 1002
 1003
 1004
 1005
 1006
 1007
 1008
 1009
 1010
 1011
 1012
 1013
 1014
 1015
 1016
 1017
 1018
 1019
 1020
 1021
 1022
 1023
 1024
 1025
 1026
 1027
 1028
 1029
 1030
 1031
 1032
 1033
 1034
 1035
 1036
 1037
 1038
 1039
 1040
 1041
 1042
 1043
 1044
 1045
 1046
 1047
 1048
 1049
 1050
 1051
 1052
 1053
 1054
 1055
 1056
 1057
 1058
 1059
 1060
 1061
 1062
 1063
 1064
 1065
 1066
 1067
 1068
 1069
 1070
 1071
 1072
 1073
 1074
 1075
 1076
 1077
 1078
 1079
 1080
 1081
 1082
 1083
 1084
 1085
 1086
 1087
 1088
 1089
 1090
 1091
 1092
 1093
 1094
 1095
 1096
 1097
 1098
 1099
 1100
 1101
 1102
 1103
 1104
 1105
 1106
 1107
 1108
 1109
 1110
 1111
 1112
 1113
 1114
 1115
 1116
 1117
 1118
 1119
 1120
 1121
 1122
 1123
 1124
 1125
 1126
 1127
 1128
 1129
 1130
 1131
 1132
 1133
 1134
 1135
 1136
 1137
 1138
 1139
 1140
 1141
 1142
 1143
 1144
 1145
 1146
 1147
 1148
 1149
 1150
 1151
 1152
 1153
 1154
 1155
 1156
 1157
 1158
 1159
 1160
 1161
 1162
 1163
 1164
 1165
 1166
 1167
 1168
 1169
 1170
 1171
 1172
 1173
 1174
 1175
 1176
 1177
 1178
 1179
 1180
 1181
 1182
 1183
 1184
 1185
 1186
 1187
 1188
 1189
 1190
 1191
 1192
 1193
 1194
 1195
 1196
 1197
 1198
 1199
 1200
 1201
 1202
 1203
 1204
 1205
 1206
 1207
 1208
 1209
 1210
 1211
 1212
 1213
 1214
 1215
 1216
 1217
 1218
 1219
 1220
 1221
 1222
 1223
 1224
 1225
 1226
 1227
 1228
 1229
 1230
 1231
 1232
 1233
 1234
 1235
 1236
 1237
 1238
 1239
 1240
 1241
 1242
 1243
 1244
 1245
 1246
 1247
 1248
 1249
 1250
 1251
 1252
 1253
 1254
 1255
 1256
 1257
 1258
 1259
 1260
 1261
 1262
 1263
 1264
 1265
 1266
 1267
 1268
 1269
 1270
 1271
 1272
 1273
 1274
 1275
 1276
 1277
 1278
 1279
 1280
 1281
 1282
 1283
 1284
 1285
 1286
 1287
 1288
 1289
 1290
 1291
 1292
 1293
 1294
 1295
 1296
 1297
 1298
 1299
 1300
 1301
 1302
 1303
 1304
 1305
 1306
 1307
 1308
 1309
 1310
 1311
 1312
 1313
 1314
 1315
 1316
 1317
 1318
 1319
 1320
 1321
 1322
 1323
 1324
 1325
 1326
 1327
 1328
 1329
 1330
 1331
 1332
 1333
 1334
 1335
 1336
 1337
 1338
 1339
 1340
 1341
 1342
 1343
 1344
 1345
 1346
 1347
 1348
 1349
 1350
 1351
 1352
 1353
 1354
 1355
 1356
 1357
 1358
 1359
 1360
 1361
 1362
 1363
 1364
 1365
 1366
 1367
 1368
 1369
 1370
 1371
 1372
 1373
 1374
 1375
 1376
 1377
 1378
 1379
 1380
 1381
 1382
 1383

1110	1120	1130	1140	1150
ccttgccaca	atctccacga	gtccccaatc	cctcacaacc	aaaccagggtc
1160	1170	1180	1190	1200
cggacaacag	cacccataat	acaccctgtg	ataaacttga	catctctgag
1210	1220	1230	1240	1250
gcaactcaag	ttgaacaaca	tcaccgcaga	acagacaacg	acagcacagc
1260	1270	1280	1290	1300
ctccgacact	ccctctgcc	cgaccgcagc	cggacccccca	aaagcagaga
1310	1320	1330	1340	1350
acaccaacac	gagcaagagc	actgacttcc	tggacccccgc	caccacaaca
1360	1370	1380	1390	1400
agtccccaaa	accacagcga	gaccgctggc	aacaacaaca	ctcatcacca
1410	1420	1430	1440	1450
agataccgga	gaagagagt	ccagcagcgg	gaagctaggc	ttaattacca
1460	1470	1480	1490	1500
atactattgc	tggagtcgca	ggactgatca	caggcggggag	aagaactcga
1510	1520	1530	1540	1550
cgatcggcaa	ttgtcaatgc	tcaacccaaa	tgcaacccta	atttacatta
1560	1570	1580	1590	1600
ctggactact	caggatgaag	gtgctgcaat	cggactggcc	tggataccat
1610	1620	1630	1640	1650
atttcggggc	agcagccgag	ggaatttaca	tagaggggct	aatgcacaat
1660	1670	1680	1690	1700
caagatgggt	taatctgtgg	gttgagacag	ctggccaacg	agacgactca
1710	1720	1730	1740	1750
agctcttcaa	ctgttcttga	gagccacaac	tgagctacgc	accttttcaa
1760	1770	1780	1790	1800
tctcaaccg	taaggcaatt	gatttcttgc	tgacagcgatg	gggcgggcaca
1810	1820	1830	1840	1850
tgccacattc	tgggaccgga	ctgctgtatc	gaaccacatg	attggaccaa
1860	1870	1880	1890	1900
gaacataaca	gacaaaattg	atcagattat	tcatgatttt	gttgataaaa
1910	1920	1930	1940	1950
cccttccgga	ccagggggac	aatgacaatt	ggtggacagg	atggagacaa
1960	1970	1980	1990	2000
tggataccgg	caggtattgg	agttacaggc	gttataattg	cagttatcgc

2010 2020 2030
tttattctgt atatgcaa at ttgtctttta gttgaattc

SEQ ID NO:12

EBOGP1/EBOGP2 amino acid sequence

MetGlyValThrGlyIleLeuGlnLeuProArgAspArgPheLys
ArgThrSerPhePheLeuTrpValIleIleLeuPheGlnArgThrPhe
SerIleProLeuGlyValIleHisAsnSerThrLeuGlnValSerAsp
ValAspLysLeuValCysArgAspLysLeuSerSerThrAsnGlnLeuArg
SerValGlyLeuAsnLeuGluGlyAsnGlyValAlaThrAspValProSer
AlaThrLysArgTrpGlyPheArgSerGlyValProProLysValVal
AsnTyrGluAlaGlyGluTrpAlaGluAsnCysTyrAsnLeuGluIleLys
LysProAspGlySerGluCysLeuProAlaAlaProAspGlyIleArgGly
PheProArgCysArgTyrValHisLysValSerGlyThrGlyProCys
AlaGlyAspPheAlaPheHisLysGluGlyAlaPhePheLeuTyrAspArg
LeuAlaSerThrValIleTyrArgGlyThrThrPheAlaGluGlyValVal
AlaPheLeuIleLeuProGlnAlaLysLysAspPhePheSerSerHis
ProLeuArgGluProValAsnAlaThrGluAspProSerSerGlyTyrTyr
SerThrThrIleArgTyrGlnAlaThrGlyPheGlyThrAsnGluThrGlu
TyrLeuPheGluValAspAsnLeuThrTyrValGlnLeuGluSerArg
PheThrProGlnPheLeuLeuGlnLeuAsnGluThrIleTyrThrSerGly
LysArgSerAsnThrThrGlyLysLeuIleTrpLysValAsnProGluIle
AspThrThrIleGlyGluTrpAlaPheTrpGluThrLysLysAsnLeu
ThrArgLysIleArgSerGluGluLeuSerPheThrValValSerAsnGly
AlaLysAsnIleSerGlyGlnSerProAlaArgThrSerSerAspProGly
ThrAsnThrThrThrGluAspHisLysIleMetAlaSerGluAsnSer
SerAlaMetValGlnValHisSerGlnGlyArgGluAlaAlaValSerHis
LeuThrThrLeuAlaThrIleSerThrSerProGlnSerLeuThrThrLys
ProGlyProAspAsnSerThrHisAsnThrProValTyrLysLeuAsp

2010 2020 2030

IleSerGluAlaThrGlnValGluGlnHisHisArgArgThrAspAsnAsp
 SerThrAlaSerAspThrProSerAlaThrThrAlaAlaGlyProProLys
 AlaGluAsnThrAsnThrSerLysSerThrAspPheLeuAspProAla
 ThrThrThrSerProGlnAsnHisSerGluThrAlaGlyAsnAsnAsnThr
 HisHisGlnAspThrGlyGluGluSerAlaSerSerGlyLysLeuGlyLeu>
 IleThrAsnThrIleAlaGlyValAlaGlyLeuIleThrGlyGlyArg
 ArgThrArgArgSerAlaIleValAsnAlaGlnProLysCysAsnProAsn
 LeuHisTyrTrpThrThrGlnAspGluGlyAlaAlaIleGlyLeuAlaTrp
 IleProTyrPheGlyProAlaAlaGluGlyIleTyrIleGluGlyLeu
 MetHisAsnGlnAspGlyLeuIleCysGlyLeuArgGlnLeuAlaAsnGlu
 ThrThrGlnAlaLeuGlnLeuPheLeuArgAlaThrThrGluLeuArgThr
 PheSerIleLeuAsnArgLysAlaIleAspPheLeuLeuGlnArgTrp
 GlyGlyThrCysHisIleLeuGlyProAspCysCysIleGluProHisAsp
 TrpThrLysAsnIleThrAspLysIleAspGlnIleIleHisAspPheVal
 AspLysThrLeuProAspGlnGlyAspAsnAspAsnTrpTrpThrGly
 TrpArgGlnTrpIleProAlaGlyIleGlyValThrGlyValIleIleAla
 ValIleAlaLeuPheCysIleCysLysPheValPhe*

SEQ ID NO:13

RVNGP1/RVNGP2 nucleotide sequence

10	20	30	40	50
atgaagacca	tatattttct	gattagtctc	attttaatcc	aaagtataaa
60	70	80	90	100
aactctccct	gttttagaaa	ttgctagtaa	cagccaacct	caagatgtag
110	120	130	140	150
attcagtgtg	ctccggaacc	ctccaaaaga	cagaagatgt	tcattctgatg
160	170	180	190	200
ggatttacac	tgagtgggca	aaaagttgct	gattcccctt	tggaagcatc
210	220	230	240	250
taaacgatgg	gctttcagga	caggtgttcc	tccaagaac	gttgagtata

260	270	280	290	300
cggaaggaga	agaagccaaa	acatgtttaca	atataagtgt	aacagaccct
310	320	330	340	350
tctggaaaat	ccttgctgct	ggatcctccc	agtaatatcc	gcgattaccc
360	370	380	390	400
taaatgtaaa	actgttcatc	atattcaagg	tcaaaaccct	catgcacagg
410	420	430	440	450
ggattgccct	ccatttgtgg	ggggcatitt	tcttgtatga	tcgcgttgcc
460	470	480	490	500
tctacaacaa	tgtaccgagg	caaggtcttc	actgaaggaa	atatagcagc
510	520	530	540	550
tatgattggt	aataagacag	ttcacagaat	gattttttct	aggcaaggac
560	570	580	590	600
aaggttatcg	tcacatgaac	ttgacctcca	ccaataaata	ttggacaagc
610	620	630	640	650
agcaatgaaa	cgcagagaaa	tgatacggga	tgttttggca	tcctccaaga
660	670	680	690	700
atacaactcc	acaaacaatc	aaacatgccc	tccatctctt	aaacctccat
710	720	730	740	750
ccctgcccac	agtaactccg	agcattcact	ctacaaatac	tcaaattaat
760	770	780	790	800
actgctaaat	ctggaactat	gaaccceaagt	agcgacgatg	aggaccttat
810	820	830	840	850
gatttccggc	tcaggatctg	gagaacaggg	gccccacaca	actcttaatg
860	870	880	890	900
tagtcaactga	acagaaacaa	tcgtcaacaa	tattgtccac	tccttcacta
910	920	930	940	950
catccaagca	cctcacaaca	tgagcaaaac	agtacgaatc	cttccccgaca
960	970	980	990	1000
tgctgtaact	gagcacaatg	gaaccgaccc	aacaacacaa	ccagcaacgc
1010	1020	1030	1040	1050
tcctcaacaa	tactaataca	actcccacct	ataacactct	caagtacaac
1060	1070	1080	1090	1100
ctcagtactc	cttcccctcc	aaccgcgaac	atcaccaata	atgatacaca
1110	1120	1130	1140	1150
acgtgaacta	gcagaaagcg	aacaaaccaa	tgctcagttg	aacacaactc

1160	1170	1180	1190	1200
tagatccaac	agaaaaatccc	accacaggac	aagacaccaa	cagcacaacc
1210	1220	1230	1240	1250
aacatcatca	tgacgacatc	agatataaca	agcaaacacc	ccacaaaattc
1260	1270	1280	1290	1300
ttctccggat	tctagtccga	caaccgcgcc	tcctatatac	tttagaaaga
1310	1320	1330	1340	1350
aacgatcgat	tttctggaaa	gaagggtgata	tattcccgtt	tttagatggg
1360	1370	1380	1390	1400
ttaataaata	ctgaaattga	ttttgatcca	atcccaaaca	cagaaacaat
1410	1420	1430	1440	1450
ctttgatgaa	tctcccagct	ttaatacttc	aactaatgag	gaacaacaca
1460	1470	1480	1490	1500
ctccccgaa	tatcagttta	actttctctt	attttcctga	taaaaatgga
1510	1520	1530	1540	1550
gatactgcct	actctgggga	aaacgagaat	gattgtgatg	cagagttgag
1560	1570	1580	1590	1600
gatttgagtg	gtgcaggagg	acgatttggc	ggcagggcct	agctggatac
1610	1620	1630	1640	1650
catttttttg	ccctggaatc	gaaggactct	atactgccgg	tttaatcaaa
1660	1670	1680	1690	1700
aatcagaaca	atttagtttg	taggttgagg	cgcttagcta	atcaaactgc
1710	1720	1730	1740	1750
taaatccttg	gagctcttgt	taaggggtcac	aaccgaggaa	aggacatttt
1760	1770	1780	1790	1800
ccttaatcaa	taggcatgca	attgactttt	tgcttacgag	gtggggcgga
1810	1820	1830	1840	1850
acatgcaagg	tgctaggacc	tgattgttgc	ataggaatag	aagatctatc
1860	1870	1880	1890	1900
taaaaatatc	tcagaacaaa	tcgacaaaat	cagaaaggat	gaacaaaagg
1910	1920	1930	1940	1950
aggaaactgg	ctgggggtcta	ggtggcaaatt	ggtggacatc	tgactgggggt
1960	1970	1980	1990	2000
gttctcacca	atttgggcat	cctgctacta	ttatctatag	ctgttctgat
2010	2020	2030	2040	
tgctctgtcc	tgtatctgtc	gtatcttcac	taaatacatt	ggatga

150 151 152 153 154 155 156 157 158 159 160 161 162 163 164 165 166 167 168 169 170 171 172 173 174 175 176 177 178 179 180 181 182 183 184 185 186 187 188 189 190 191 192 193 194 195 196 197 198 199 200 201 202 203 204 205 206 207 208 209 210 211 212 213 214 215 216 217 218 219 220 221 222 223 224 225 226 227 228 229 230 231 232 233 234 235 236 237 238 239 240 241 242 243 244 245 246 247 248 249 250 251 252 253 254 255 256 257 258 259 260 261 262 263 264 265 266 267 268 269 270 271 272 273 274 275 276 277 278 279 280 281 282 283 284 285 286 287 288 289 290 291 292 293 294 295 296 297 298 299 300 301 302 303 304 305 306 307 308 309 310 311 312 313 314 315 316 317 318 319 320 321 322 323 324 325 326 327 328 329 330 331 332 333 334 335 336 337 338 339 340 341 342 343 344 345 346 347 348 349 350 351 352 353 354 355 356 357 358 359 360 361 362 363 364 365 366 367 368 369 370 371 372 373 374 375 376 377 378 379 380 381 382 383 384 385 386 387 388 389 390 391 392 393 394 395 396 397 398 399 400 401 402 403 404 405 406 407 408 409 410 411 412 413 414 415 416 417 418 419 420 421 422 423 424 425 426 427 428 429 430 431 432 433 434 435 436 437 438 439 440 441 442 443 444 445 446 447 448 449 450 451 452 453 454 455 456 457 458 459 460 461 462 463 464 465 466 467 468 469 470 471 472 473 474 475 476 477 478 479 480 481 482 483 484 485 486 487 488 489 490 491 492 493 494 495 496 497 498 499 500 501 502 503 504 505 506 507 508 509 510 511 512 513 514 515 516 517 518 519 520 521 522 523 524 525 526 527 528 529 530 531 532 533 534 535 536 537 538 539 540 541 542 543 544 545 546 547 548 549 550 551 552 553 554 555 556 557 558 559 560 561 562 563 564 565 566 567 568 569 570 571 572 573 574 575 576 577 578 579 580 581 582 583 584 585 586 587 588 589 590 591 592 593 594 595 596 597 598 599 600 601 602 603 604 605 606 607 608 609 610 611 612 613 614 615 616 617 618 619 620 621 622 623 624 625 626 627 628 629 630 631 632 633 634 635 636 637 638 639 640 641 642 643 644 645 646 647 648 649 650 651 652 653 654 655 656 657 658 659 660 661 662 663 664 665 666 667 668 669 670 671 672 673 674 675 676 677 678 679 680 681 682 683 684 685 686 687 688 689 690 691 692 693 694 695 696 697 698 699 700 701 702 703 704 705 706 707 708 709 710 711 712 713 714 715 716 717 718 719 720 721 722 723 724 725 726 727 728 729 730 731 732 733 734 735 736 737 738 739 740 741 742 743 744 745 746 747 748 749 750 751 752 753 754 755 756 757 758 759 760 761 762 763 764 765 766 767 768 769 770 771 772 773 774 775 776 777 778 779 780 781 782 783 784 785 786 787 788 789 790 791 792 793 794 795 796 797 798 799 800 801 802 803 804 805 806 807 808 809 810 811 812 813 814 815 816 817 818 819 820 821 822 823 824 825 826 827 828 829 830 831 832 833 834 835 836 837 838 839 840 841 842 843 844 845 846 847 848 849 850 851 852 853 854 855 856 857 858 859 860 861 862 863 864 865 866 867 868 869 870 871 872 873 874 875 876 877 878 879 880 881 882 883 884 885 886 887 888 889 890 891 892 893 894 895 896 897 898 899 900 901 902 903 904 905 906 907 908 909 910 911 912 913 914 915 916 917 918 919 920 921 922 923 924 925 926 927 928 929 930 931 932 933 934 935 936 937 938 939 940 941 942 943 944 945 946 947 948 949 950 951 952 953 954 955 956 957 958 959 960 961 962 963 964 965 966 967 968 969 970 971 972 973 974 975 976 977 978 979 980 981 982 983 984 985 986 987 988 989 990 991 992 993 994 995 996 997 998 999 1000 1001 1002 1003 1004 1005 1006 1007 1008 1009 1010 1011 1012 1013 1014 1015 1016 1017 1018 1019 1020 1021 1022 1023 1024 1025 1026 1027 1028 1029 1030 1031 1032 1033 1034 1035 1036 1037 1038 1039 1040 1041 1042 1043 1044 1045 1046 1047 1048 1049 1050 1051 1052 1053 1054 1055 1056 1057 1058 1059 1060 1061 1062 1063 1064 1065 1066 1067 1068 1069 1070 1071 1072 1073 1074 1075 1076 1077 1078 1079 1080 1081 1082 1083 1084 1085 1086 1087 1088 1089 1090 1091 1092 1093 1094 1095 1096 1097 1098 1099 1100 1101 1102 1103 1104 1105 1106 1107 1108 1109 1110 1111 1112 1113 1114 1115 1116 1117 1118 1119 1120 1121 1122 1123 1124 1125 1126 1127 1128 1129 1130 1131 1132 1133 1134 1135 1136 1137 1

SEQ ID NO:24
MBGV RVN (5-AAG CTT CGA CAT GAA GAC CAT AT-3');

SEQ ID NO:25

GP2 forward (containing PvuI) MBGV MUS (5'-AGC GAT CGA TCC
TCT GGA G -3'),

SEQ ID NO:26

MBGV RVN (5'-AAC GAT CGA TTT TCT GGA A-3');

SEQ ID NO:27

GP1 reverse (containing PvuI) MBGV MUS (5'-GAT CGA TCG CTT
TCT TCT G-3'),

SEQ ID NO:28

MBGV RVN (5'-AAA TCG ATC GTT TCT TTC TAA AG-3');

SEQ ID NO:29

GP2 reverse (containing EcoRI) MBGV MUS (5'-CGA ATT CCG TTA
TCC GAT ATA T-3'),

SEQ ID NO:30

MBGV RVN (5'-CGA ATT CTG TCA TCC AAT GTA T-3').

10065006.013402